



A filogenética ajuda a organizar a grande biodiversidade de forma a evidenciar a Evolução.

Vamos entender como isso funciona?

BOTÂNICA ONLINE

Introdução à Filogenética para Professores de Biologia

www.botanicaonline.com.br

Site organizado por Profa. Dra. Suzana Ursi
Departamento de Botânica
Instituto de Biociências - Universidade de São Paulo

Emiliano Carneiro Monteiro

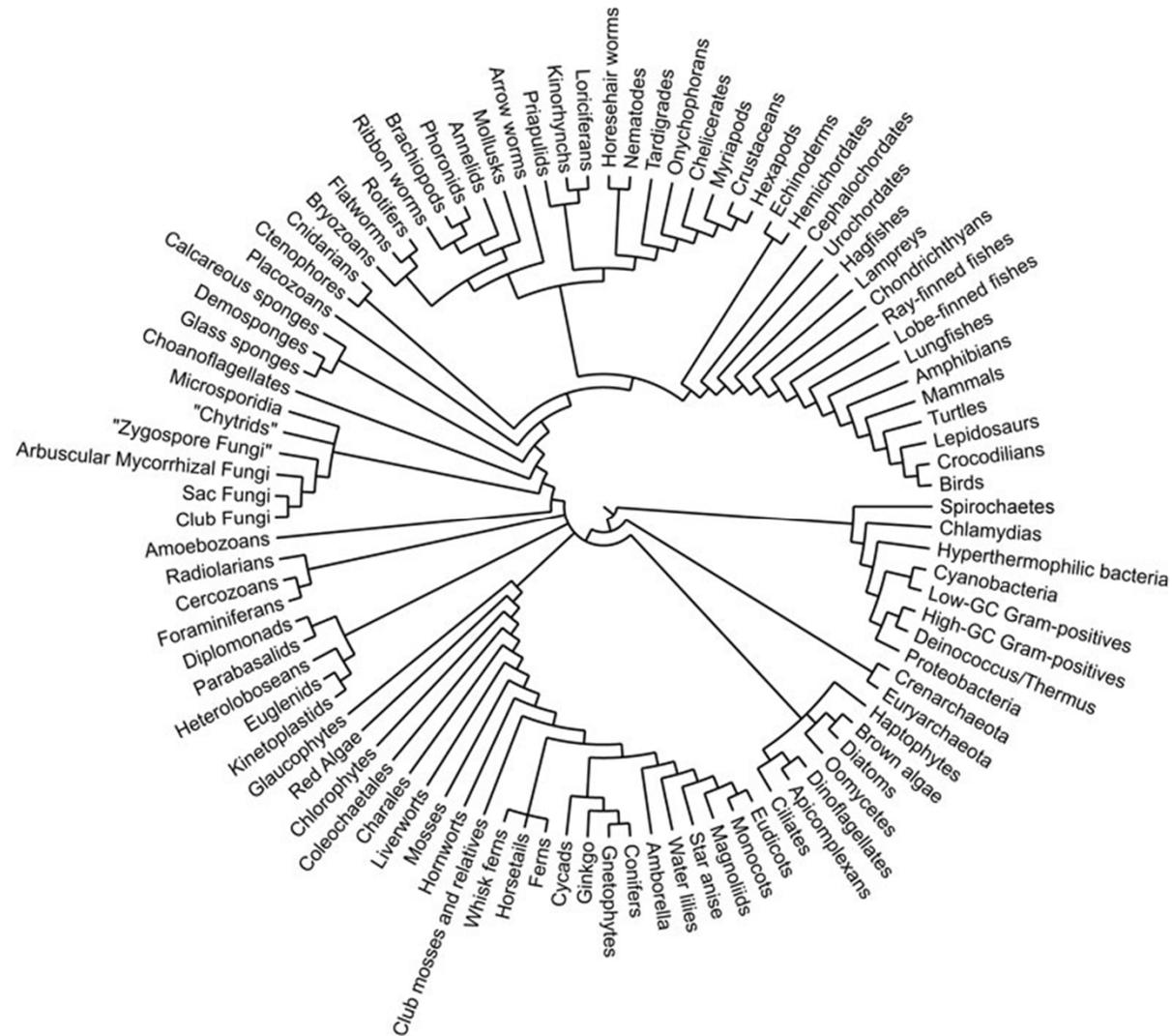
Doutorando
Depto. De Genética e Biologia Evolutiva

e

Suzana Ursi

Profa. Dra.
Depto. De Botânica

O que é uma Filogenia?

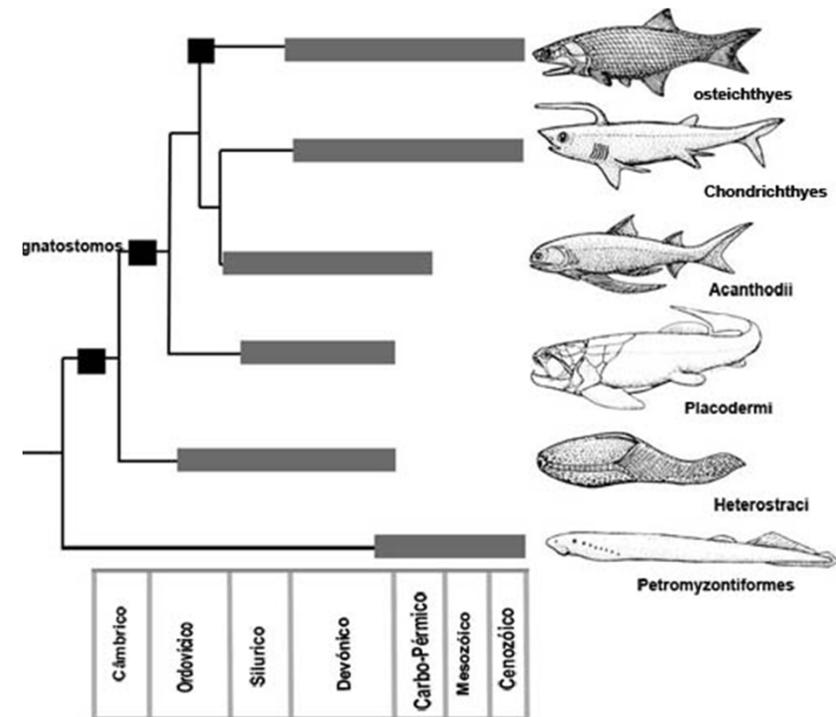
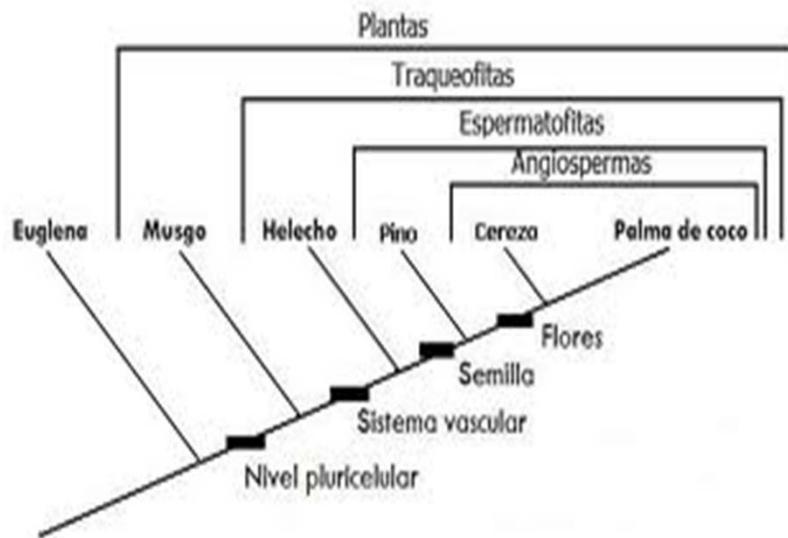


Fonte: <http://www.zo.utexas.edu/faculty/antisense/DownloadfilesToL.html>

- 
- Tanto os Parâmetros curriculares Nacionais, quanto a Proposta Curricular do Estado de São Paulo atribuem grande importância à filogenia, a compreensão de árvores e relações filogenéticas entre seres vivos. Tal ênfase faz muito sentido se pensarmos que atualmente a **Evolução** é a teoria mais central e unificadora da Biologia.
 - **Mas afinal: o que é uma Filogenia?**
 - Filogenia é uma hipótese acerca das **relações de parentesco** entre os seres vivos.
 - Filogenias são representadas através de **árvores filogenéticas**.

Árvores filogenéticas

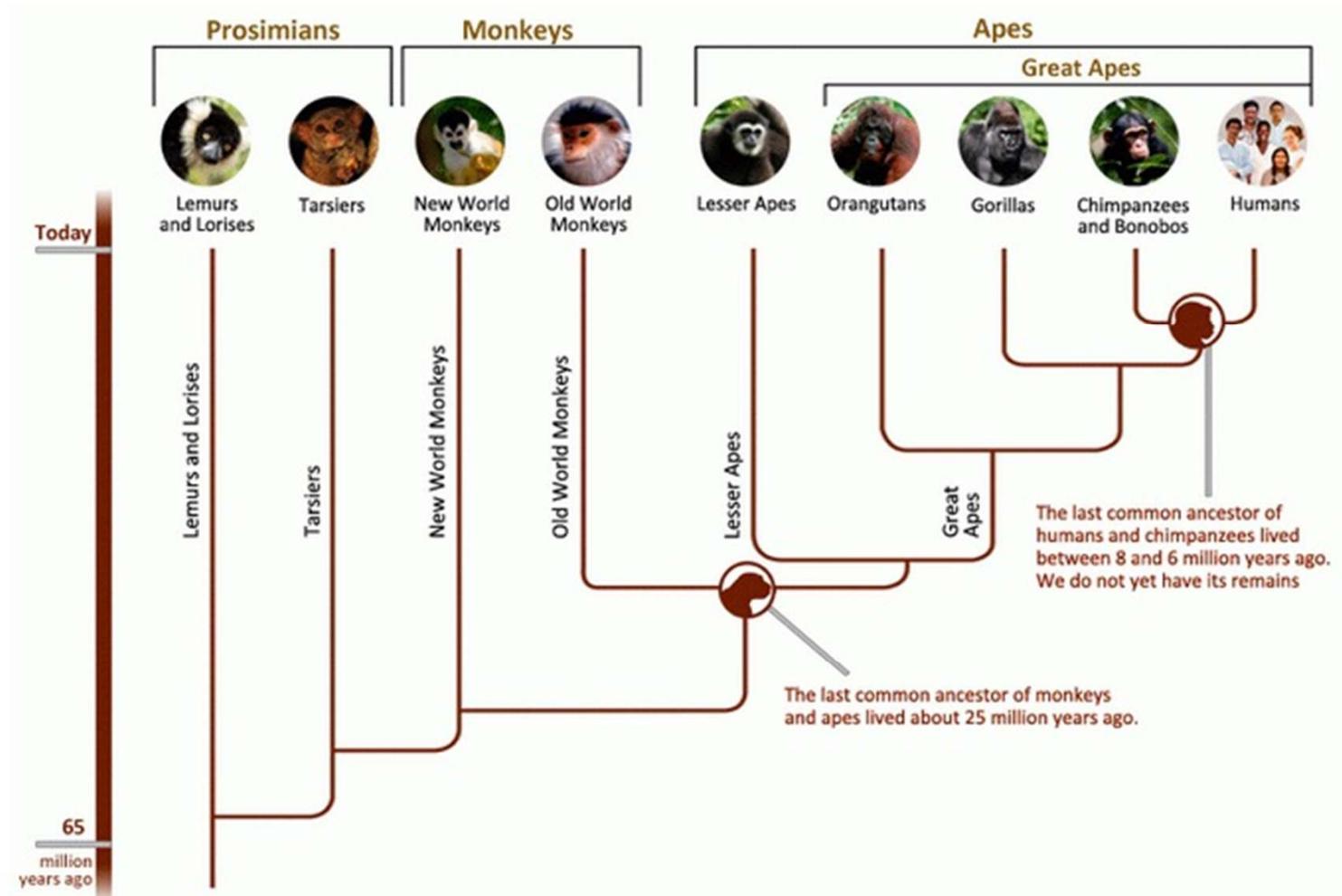
- Podemos dizer que árvore filogenética seria algo como uma “árvore genealógica” das espécies de seres vivos.
- Ela pode englobar diversos níveis de agrupamentos dos seres vivos.
- Agora veja alguns exemplos de árvores filogenéticas.



Fontes:

<http://oficina.cienciaviva.pt/~pw011/jazidas/materpiscis.html>
<http://www.sindioses.org/cienciaorigenes/cladotaller.html>

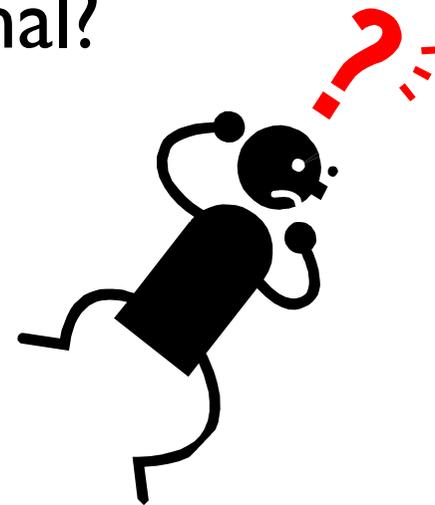
- Veja agora uma árvore filogenética mostrando as relações de parentesco entre os primatas



Primate Family Tree

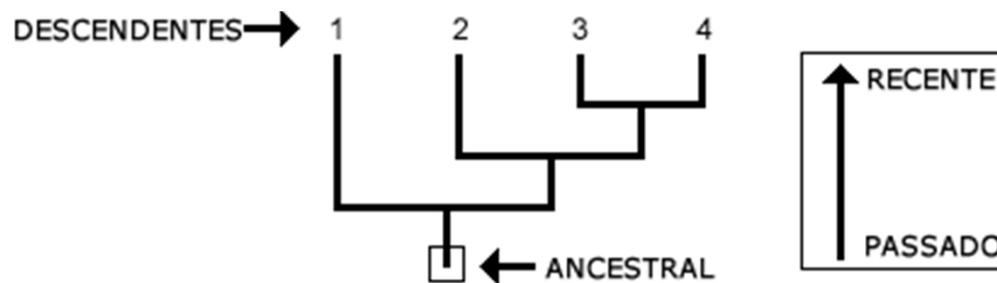


- Mas como foram feitas cada uma dessas árvores filogenéticas?
- Que critérios os pesquisadores utilizaram em cada caso para agrupar os seres vivos?
- E o que exatamente quer dizer cada ramificação e cada terminal?



Entendendo filogenias

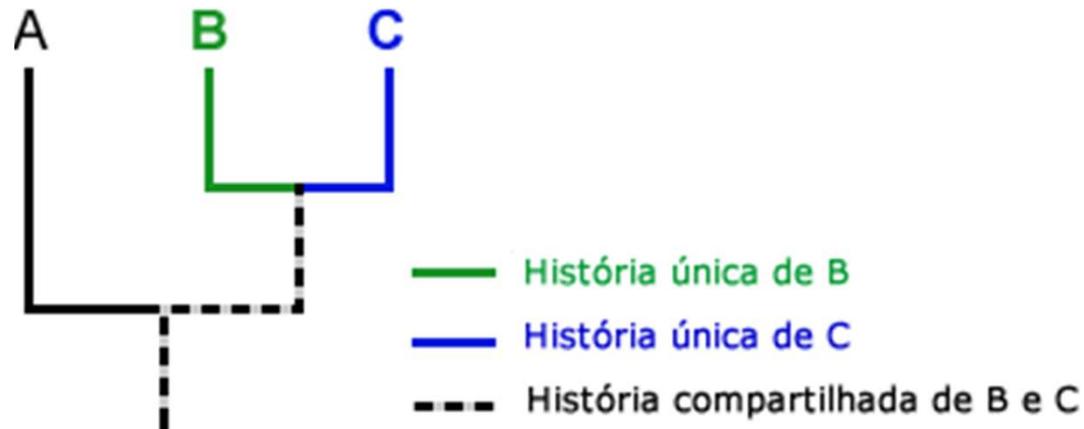
- Primeiramente, vamos aprender a “ler” uma filogenia.
 - 1) A raiz da árvore representa a linhagem ancestral, e as pontas das ramificações representam os descendentes desse ancestral. Conforme você avança da raiz para as pontas, você está avançando no tempo.



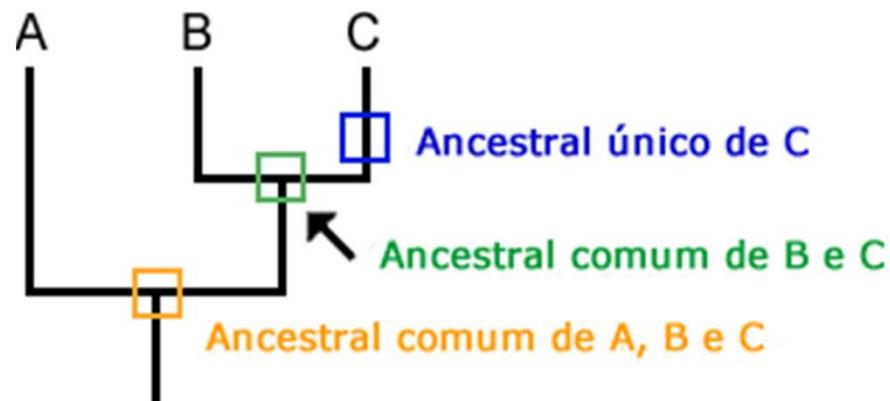
- 2) Quando uma linhagem se divide (espeiação – representada por um **nó** na árvore), é representada como uma ramificação na filogenia. Quando um evento de espeiação ocorre, uma única linhagem ancestral dá origem a duas ou mais linhagens filhas.



- 3) Filogenias traçam padrões de ancestralidade compartilhados entre linhagens. Cada linhagem tem uma parte de sua história que é única e outra parte que é compartilhada com outras linhagens.



- 4) De forma semelhante, cada linhagem tem ancestrais que são únicos para aquela linhagem e ancestrais que são partilhados com outras – ancestrais comuns.



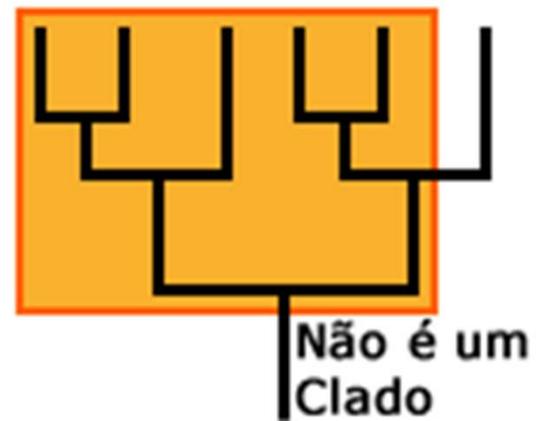
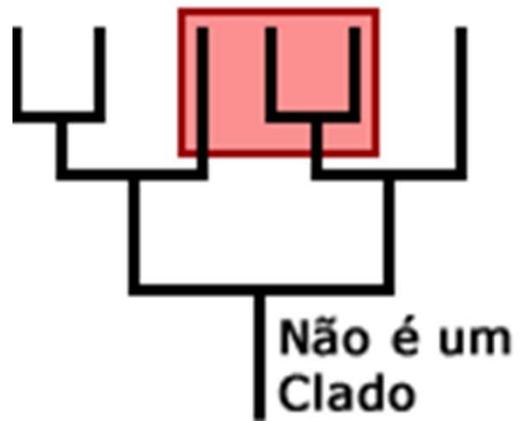
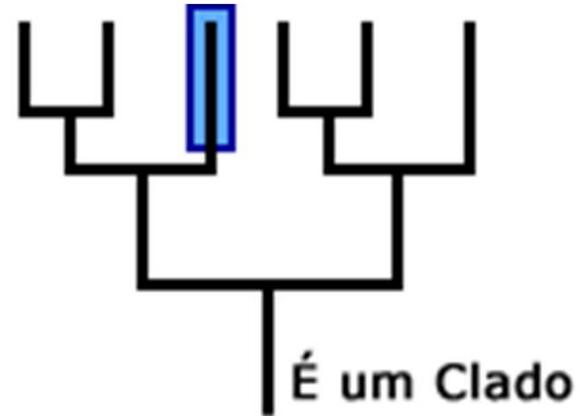
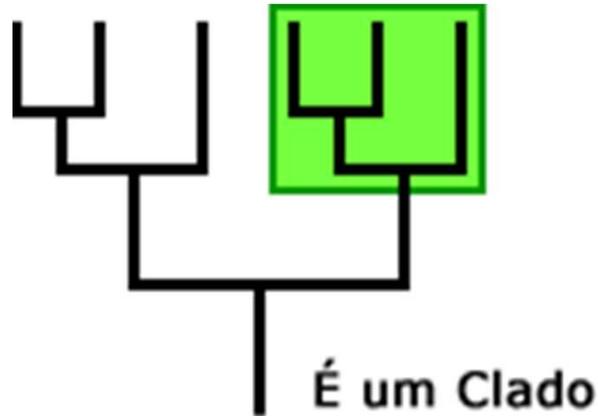
- 
- Uma informação importante para os pesquisadores é saber quais grupos de seres vivos **compartilham um único ancestral comum e exclusivo**.

- *Essa informação possibilita definirmos um **clado** válido para ser utilizado na abordagem filogenética:*

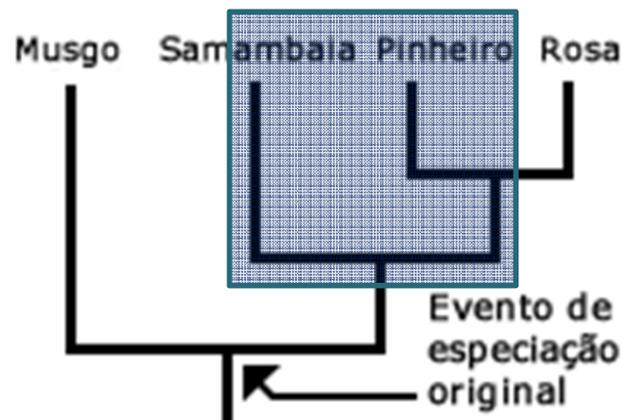
*Clado é um agrupamento que inclui um ancestral comum e exclusivo e todos os descendentes (vivos e extintos) desse ancestral. Por isso, muitas vezes as árvores filogenéticas também são chamadas de **Cladogramas**. Essa denominação é bastante comum não apenas no ambiente acadêmico, mas também nos livros e demais materiais didáticos.*

- Veja que entender a origem da palavra “Cladograma” nos ajuda a entender o próprio conceito que ela representa. Esse recurso (abordagem por etimologia) é muito útil no processo ensino-aprendizagem da toda a Biologia, não apenas de Filogenia.

- Vamos reconhecer clados nas filogenias (ou cladogramas) abaixo:

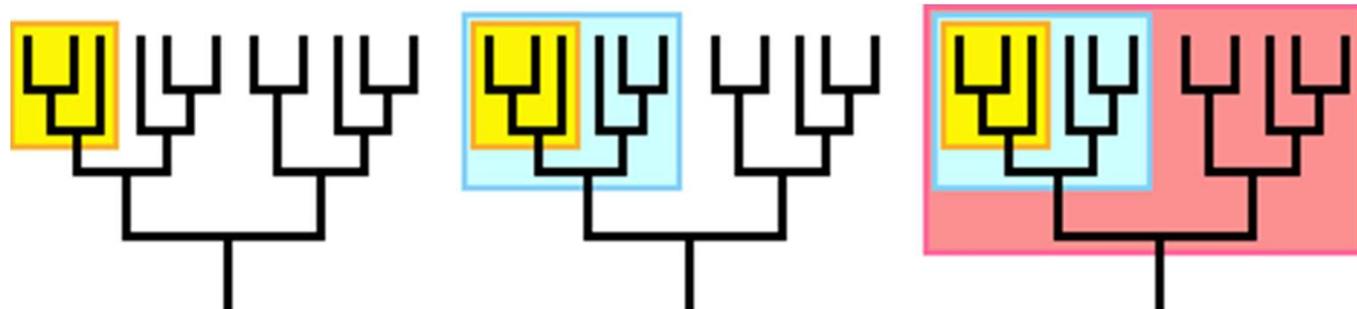


- Retomando: clados são grupos que partilham um ancestral comum exclusivo. Em uma árvore filogenética, esses grupos são conhecidos por serem todos incluídos por um **nó**.



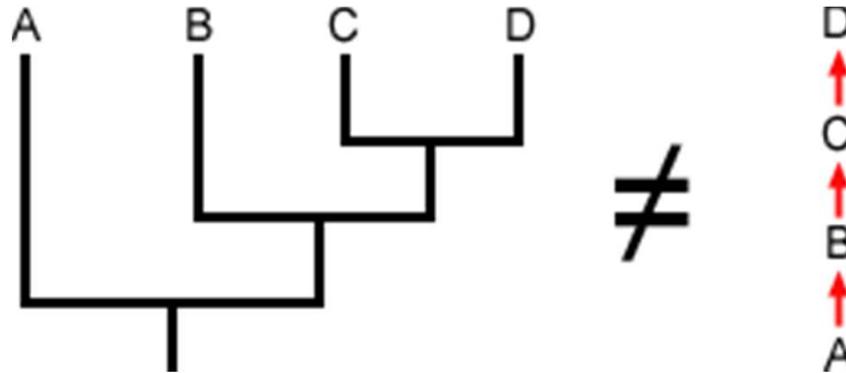
- No cladograma acima, que aborda grupos de plantas:
- **Pinheiro + samambaia** = não é um clado! = não partilham um ancestral comum e exclusivo.
- **Pinheiro + rosa + samambaia** = é um clado! = possuem um ancestral comum e exclusivo.

- Clados são representados uns dentro dos outros – eles formam uma hierarquia. Um clado pode incluir milhares de espécies ou só algumas. Alguns exemplos de clados em diferentes níveis estão marcados nas filogenias abaixo. Observe como clados estão aninhados dentro de clados maiores.

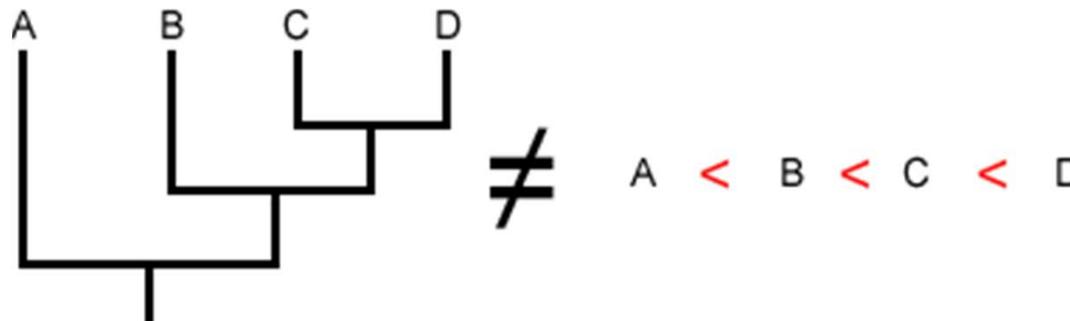


E o que isso tudo quer dizer?

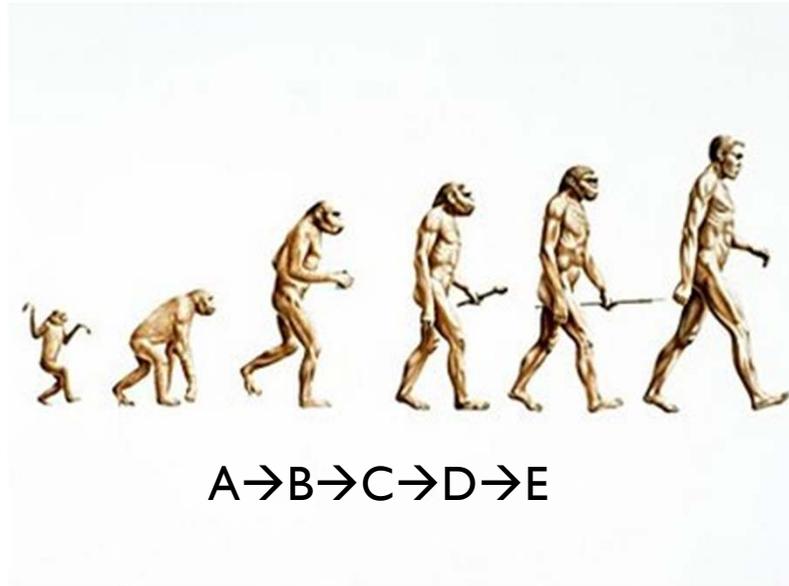
- 1) A árvore filogenética possui ramos, e não estágios como uma escada



- 2) Só porque nós tendemos a ler filogenias da esquerda para a direita, não significa que há relação com nível de “avanço”.

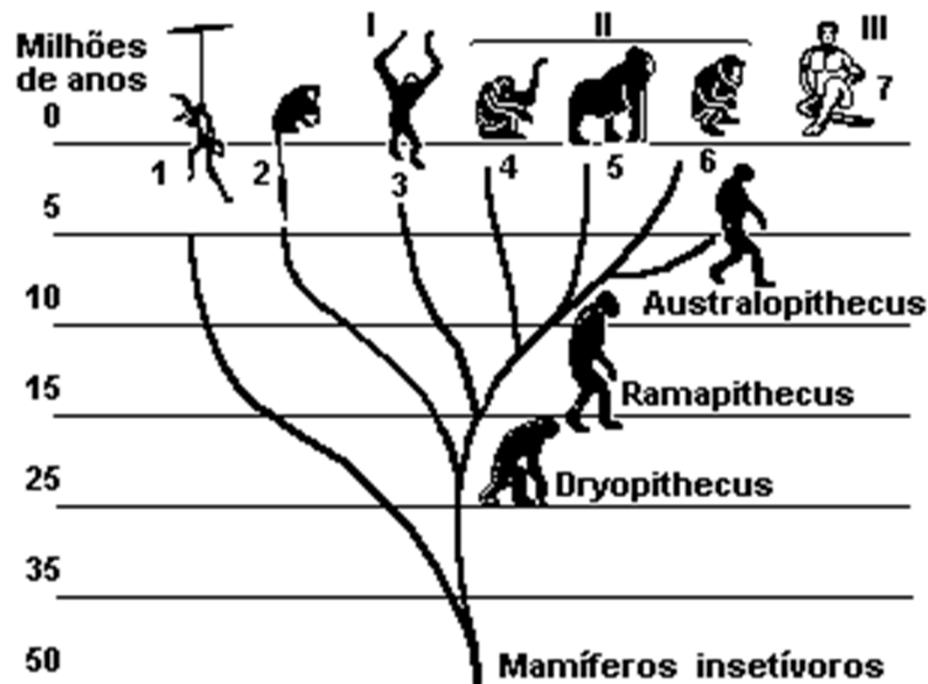


- Os problemas do slide anterior aparecem com maior clareza quando tratamos de evolução humana.
 - Estamos acostumados a pensar na evolução humana assim:



- Mas isso está incorreto!
- Lembre-se de que filogenias (e o próprio processo evolutivo) não funcionam como uma escada!!!!

- A figura abaixo é muito mais próxima da realidade.
- Ela fez parte de uma questão de ENEM e também é apresentada na Proposta Curricular do Estado de São Paulo.



Atenção

- Como pudemos ver na figura anterior, humanos não evoluíram de chimpanzés.
- Humanos e chimpanzés são primos evolutivos e compartilham um ancestral comum recente que não era nem humano tampouco chimpanzé.
- Humanos não são “superiores” ou “mais evoluídos” do que qualquer outra linhagem existente. Desde que nossas linhagens se separaram, humanos e chimpanzés desenvolveram traços únicos para suas próprias linhagens.

Aqui vale refletir sobre as implicações desses postulados para o ensino-aprendizagem de Evolução. O professor sempre deve estar atento para temas mais polêmicos como esse, que envolve diferentes dimensões sociais, incluindo a religião.



Como uma árvore filogenética é construída?

- Ao contrário do que acontece com árvores genealógicas, no mundo natural existem “certidões de nascimento dos seres vivos”, não é mesmo?
- Dessa forma, para construir uma árvore filogenética precisamos analisar, por diferentes parâmetros, representantes dos grupos que queremos classificar.
- Os parâmetros tem diferentes naturezas, como características morfológicas e bioquímicas, material genético (DNA e RNA).

- Para montar filogenias, utilizamos características derivadas compartilhadas

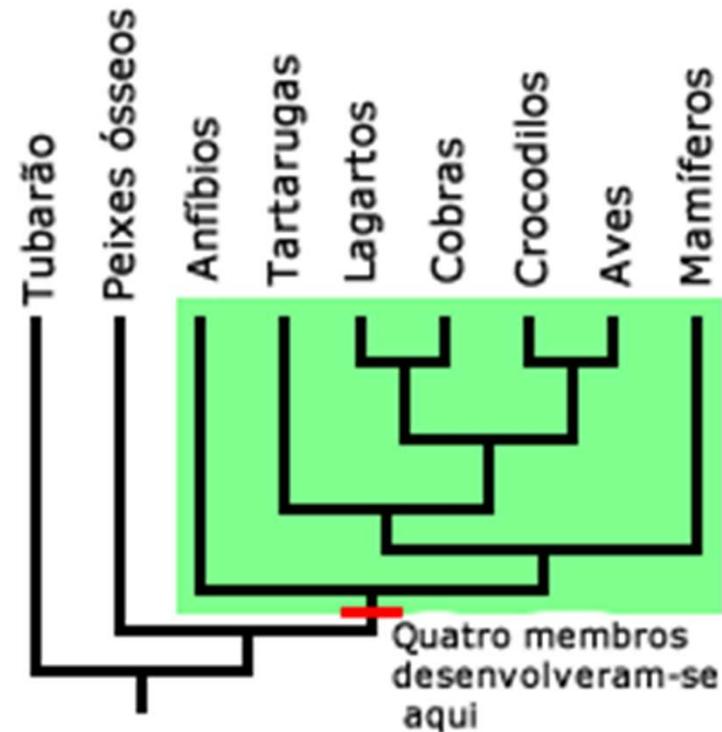
Derivada:

que evoluiu na linhagem, conduzindo a um clado. Ela coloca os membros desse clado apartados de outros indivíduos.

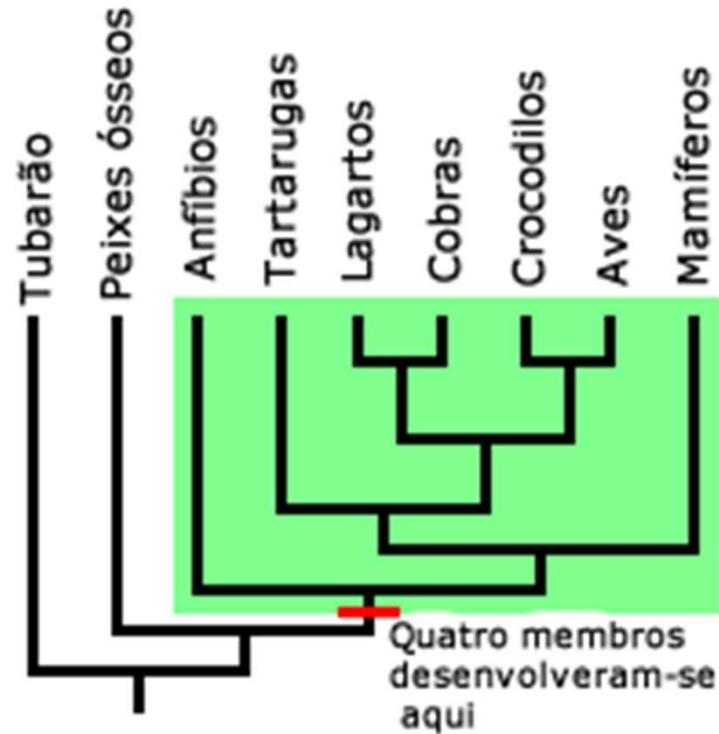
Compartilhada:

que duas linhagens têm em comum.

Veja um exemplo



- A presença de quatro membros é uma característica **derivada e compartilhada** dentro dos vertebrados que é útil para definir um grupo:



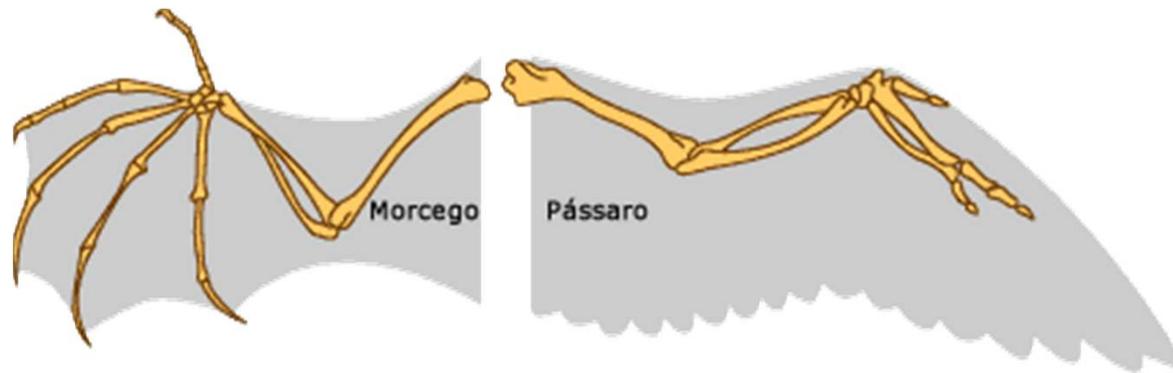
- Perceba que:
A característica “quatro membros” é útil apenas para definir o clado dos tetrápodes, dentro do clado ela não é útil e outras características derivadas compartilhadas devem ser acessadas.

Homologias

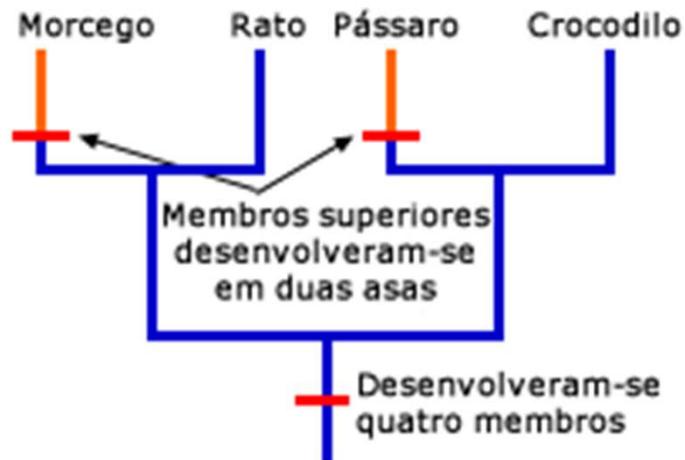
- Como a árvore filogenética é uma hipótese sobre relações evolutivas, precisamos usar características que sejam **indicadores confiáveis de ancestralidade** comum para construir a árvore.
- Nós utilizamos **características homólogas**: são aquelas similares que ocorrem em diferentes organismos porque foram herdadas de um ancestral comum que também tinha essa característica.

Atenção

- Algumas características, embora bem similares, não são compartilhadas, mas representam estruturas **análogas**, como as asas de morcegos e pássaros.



- Elas **não** definem clados:

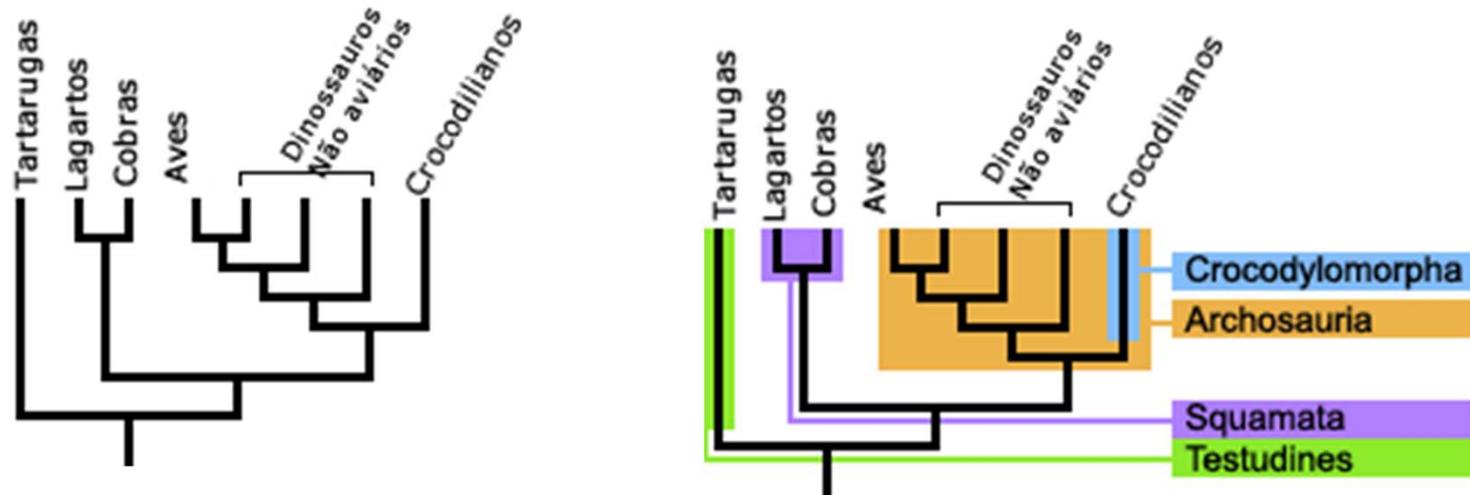


Quais as funções das filogenias?

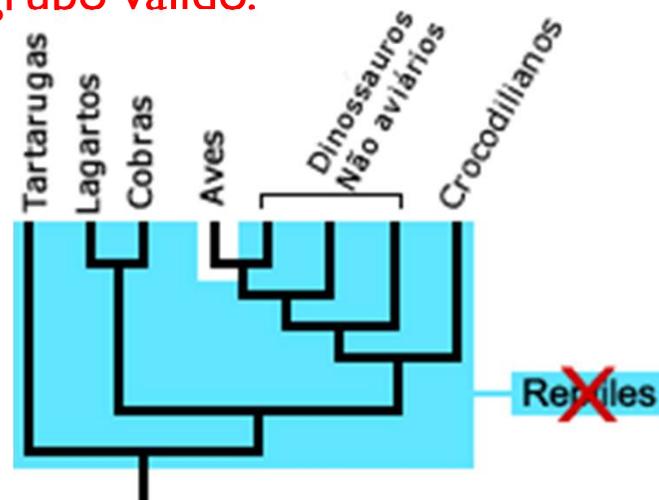
Biólogos usam árvores filogenéticas por muitas razões, como:

- Testar hipóteses sobre evolução;
 - Aprender sobre características de espécies extintas e linhagens ancestrais;
 - Classificar a biodiversidade
- 
- Classificações mais tradicionais (que são mais comumente adotadas nos livros didáticos) não reflete a evolução dos organismos.
 - Uma classificação que reflita a evolução dos organismos contém apenas **clados válidos**.
Lembrete: já apresentamos as características de um clado válido: conter um ancestral comum e exclusivo e todos os seus descendentes.

- Veja o exemplo abaixo. Dê atenção especial ao organismoa que chamamos normalmente de “répteis”.



- Veja que eles não forma um clado válido, pois as aves estão dentro do grupo, não é mesmo? Portanto, na classificação mais moderna, **Répteis não é um grupo válido.**



E as características genéticas?

Como já abordamos, elas são muito úteis na construção de filogenias.

- Muitas das árvores filogenéticas atuais foram montadas comparando-se trechos do RNA ribossômico (RNAr) de mais de 3000 espécies.
- O RNAr foi utilizado porque ele é conservado em todos os seres vivos, mas apresenta algumas diferenças que puderam ser utilizadas!
- Algumas sequências de DNA podem ser utilizadas da mesma forma!

Não temos, absolutamente, a intenção de esgotar a apresentação sobre leitura e construção de filogenia.

Ao contrário, elaboramos o presente material com o intuito de ser uma ajuda no primeiro contato com a temática.

Muitos materiais bons e completos podem ser utilizados para complementar seus estudos.

Abraços.

Os autores